Viaje sonoro por el Ciclo de Vida de *Arabidopsis thaliana*

Sonificación de las redes genéticas involucradas en los diferentes estadios de vida, un panorama micro (genotipo) y macroscópico (fenotipo).



Almuna: Aketzalli Rueda Flores
Tutor: Dr. Hugo Solis García

24 de noviembre de 2017



INDICE

"Las plantas nos pueden impresionar muy fácilmente, hasta esas pequeñas malezas que aparecen en un paseo son mucho más complejas de lo que nosotros creemos saber del mundo vivo"

-Anonimo



1. Introducción

En el curso de mi vida he estado rodeada de amor hacia la naturaleza, y no puedo olvidar las enseñanzas de mi Abuelo quien construyó minuciosamente su jardín, procurándolo amorosamente el resto de sus días. Solo le bastaron unos cuantos metros para construir su bosque: el "mágico bosque de Don Trini", como fue bien conocido. Recuerdo grandes árboles que nos impedían conocer sus ápices, al alzar la mirada solo podíamos ver unas ventanas de cielo entre el entramado de ramas y largas lianas con flores lilas que caían hasta el suelo y que eran los caminos de las arañas que habitaban en lo alto. Un paso, entonces, era adentrarse a las cavernas de arbustos en donde podías encontrar nidos de diferentes especies, otro más, te conducía a los senderos de arboles frutales, que en temporada nos deleitaban con sus increíbles frutos, y que de vez en cuando nos hacían saltar al encontrarlos llenos de gusanos.

Entonces más que un jardín, más que gran bosque, era un mundo mágico, así como lo es el ADN, más que un cromosoma, más que sus partes (A,G,U,C) en su espacio nuclear, es el principio de la expresión de la Vida. Por ello, siento la necesidad de expresar la belleza intrínseca de lo que significa esta bio-molécula que lleva por nombre *Ácido Desoxirribonucleico* y que seguramente sus características tan particulares pueden más allá del desarrollo de la vida, ser precisa en guiarnos en este trabajo de sonificación.

Pero, ¿qué es la sonificación? es la representación de relaciones de datos o información en sonido , explotando las capacidades perceptivas de la audición humana de modo que los datos sean comprensibles, y para lograrlo se involucran dos elementos: la teoría y el diseño (Hermann, 2011), y que más adelante se ahondará en cada uno de ellos (Fig.1). Este tipo de representaciones de la información es relativamente reciente, e inició con fines científicos, pero que poco a poco se ha ido orientando en resolverse de manera más atractiva.

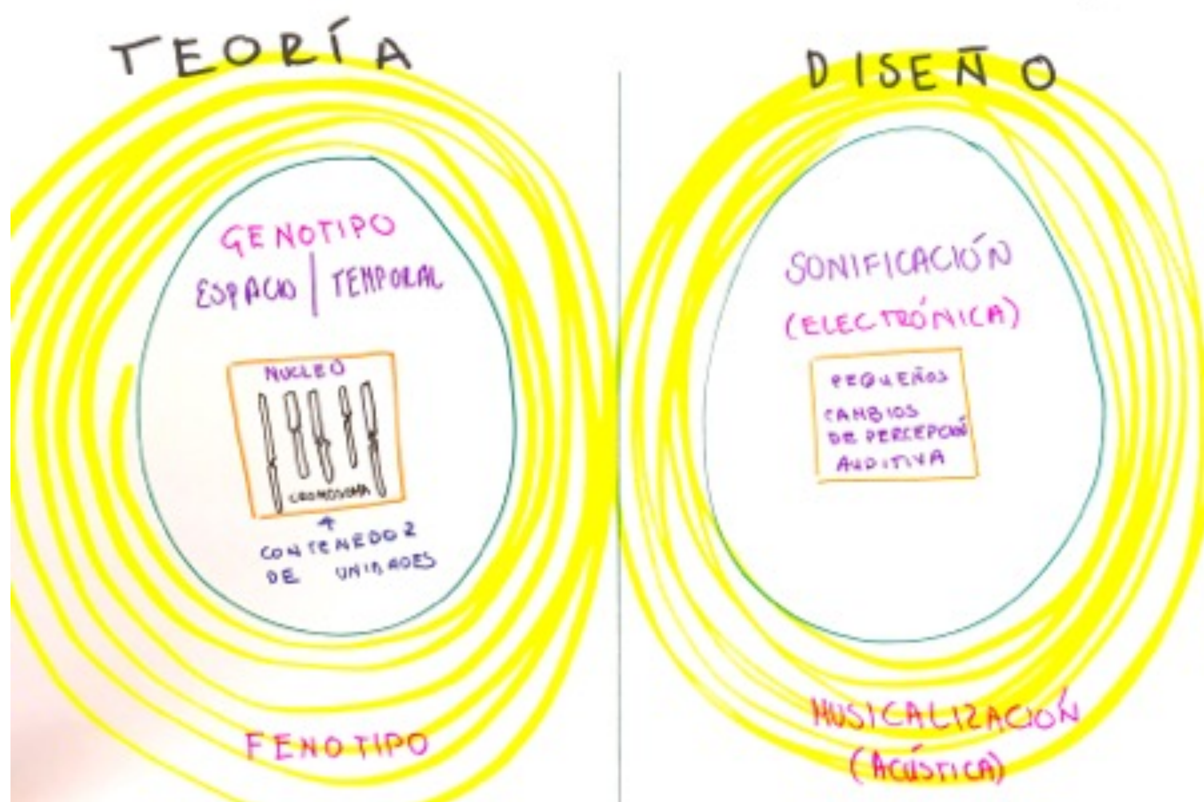


Fig. 1. Elementos para la sonificación: 1) Teoría de la expresión genética y sus diferentes niveles de genotipo (desde el ADN contenido en el núcleo hasta la expresión genética para la codificación de proteínas) y fenotipo (el fin último de la codificación de las proteínas en los diferentes estadios de la vida de Arabidopsis thaliana). 2) Diseño de la sonificación siguiendo la lógica de los diferentes niveles en la configuración de genes, su expresión espacio/temporal y su final desarrollo de estructuras vegetales determinantes de los estadios de la planta.

Entonces es interesante ver el impacto de la "era de la información" desde la forma de entender a la Naturaleza hasta las innovaciones Artísticas. Y de cómo queremos expresar la idea de Vida actual a partir del Arte, esta problemática se desarrolla en nuevo campo de investigación denominado Bioarte, término que abre camino a finales de la década de los 90 y principios de la primera década del siglo XXI (Benitez, 2013), el cual discute la intervención humana en la creación y desarrollo de nuevas formas de vida (Sturbin, 2014), volviendo al cuerpo, al organismo, un sistema controlado artificialmente y transformado electrónicamente expresándose en una nueva identidad: una identidad transgénica (Kac, 1998), la cual ya es parte de nuestro entorno, puesto que desde 1977 con la aislación del primer gen (gen de la hemoglobina de conejo) y la clonación de un gen humano, se han desencadenado una serie de oleadas de experimentación en tecnologías genéticas (Castells, 2004) generando una recombinación descontrolada con organismos "naturales".

Esta situación debe cambiar nuestra visión del mundo, y es el Bioarte quien reacciona ante este fenómeno que nos interpela a un nivel ontológico, no solo por el hecho de la dispersión de genes "artificiales" (desasociando la idea de la Vida como algo sagrado e inalterable), sino

también cómo el descubrimiento del ADN nos iguala con todos los seres vivos del planeta, acabando con la supremacía del ser humano por sobre las demás especies. Por ello, cada vez son más los artistas que escriben y los intelectuales que critican buscando comprender de qué hablamos cuando decimos Bioarte (Sturbin, 2014).

1.1. Bio(Arte) orientado a la música

Existen diversos trabajos que se han enfocado a la relación de la música y la biología, aún cuando el término Bioarte no estaba definido, ya existía ese vibrar, ese traer al mundo aquello que resuena por aparecer (Brea, 2002), donde Susumu Ohno y Midori Ohno se tomaron la libertad de configurar el mundo a su manera, con su técnica, buscando un enlace entre el ADN y el sistema musical: realizando una traducción de las secuencias genéticas (4 bases nitrogenadas, 4 notas) (Ohno, 1986). De esta manera se ha ido desplegando un mundo biológico musical, en palabras de Brea (2002) <<otro mundo posible>>, trayendo al mundo lo que aún no es, que más tarde se convertiría en Bioarte, derivando en diversos trabajos como el de los artistas Mariano Sardón (2005) con "*Cultivos Estocásticos*", Biopus con "*Tango Virus*" (2005) y "*Sensible*" (2007) (Matewecki, 2010), "*ADN en concierto*" de Thilo Krigar y "*Genómica meztiza*" de Enrico Chapela. Entre otros trabajos que siguen la línea de la pareja Ohno, como *gene2music* de Takahashi y Miller (2007) y *COMPOSALING* de Ingalls y col. (2009).

Los anteriores parten de una relación subjetiva de los datos genéticos, ya sea para relacionarlos o simplemente tomar como inspiración al ADN, pero más recientemente se ha abordado el tema de sonificación artística basada en datos biológicos como es el trabajo "*Pulsu(m) Plantae*" de Leslie García (2010), *"trees: Pinus sylvestris"* de Maeder y col. (2015) y la sonificación de genes de Mark Temple (2017). Además de estos trabajos, existen foros especializados en sonificación, como es el caso de *sonifyer.org*, que muestra esta nueva tendencia interdisciplinar alrededor de la tecnología, la naturaleza y la cultura. Estos trabajos se ven caracterizados por una estrecha relación con las tecnologías de la información, y este <<cambio de fase>> como menciona Holmes (2012) esta transformando extensamente los contextos y modos de producción cultural e intelectual, donde se entremezclan tanto aspectos subjetivos como analíticos, con el propósito de llamar la atención sobre un tipo de práctica exploratoria que surge cada vez con más urgencia, arrojando luz sobre los viejos problemas de clausura de las disciplinas especializadas que el ve como una parálisis intelectual y afectiva.

2. Definiciones de conceptos

[…]La ambición extradisciplinar consiste en llevar a cabo investigaciones rigurosas en terrenos tan alejados del arte como son […]para impulsar en estos terrenos el 'libre juego de las facultades' y la experimentación intersubjetiva que caracterizan al arte moderno y contemporáneo[…] (Holmes, 2012), con lo anterior, en este trabajo se entenderá como ese "terreno alejado" a la Genética, por lo cual en los siguientes apartados me enfocaré en describirla, seguidamente de una descripción del sonido y su percepción para que finalmente se pueda comprender el sentido de la sonificación, musicalización e instalación sonora.

2.1. Genética

La información genética se encuentra almacenada en una molécula conocida como Ácido Desoxirribonucleico (ADN), la cual está estructurada por una serie de unidades discretas que codifican un lenguaje casi universal sobre el cual están diseñados todos los seres vivos (Avery, et. al., 1944; Kornberg y Baker, 1992). La molécula de ADN fue descrita por James Watson y Francis Crick como un sistema de información a partir de una doble hélice (Watson y Crick, 1953). Químicamente el ADN está formado por cuatro nucleótidos denominados comúnmente como adenina, citosina, guanina y timina (Fig. 2), que conforman un alfabeto finito de cuatro letras. Estos nucleótidos forman cadenas de polinucleótidos en un orden particular que origina un mensaje escrito en los genes. El código del ADN se lee por grupos de tres nucleótidos llamados triplete o codón. La combinatoria de tres nucleótidos o codón da origen a la formación de 64 combinaciones. De los cuales 61 codones codifican para aminoácidos de las proteínas y tres codones indican paro de la síntesis proteica (Nirenberg y Matthaei, 1961) (Fig. 3). Este alfabeto básico constituido por los codones dará como resultado que los genes tengan una combinatoria específica de tripletes, de la cual su longitud está determinada por los codones de inicio (AUG) y de paro (UAA, UAG y UGA) quienes señalan el inició y el final del gen (Etxeberria, 2004). De esta forma podemos decir que la vida está organizada sobre una base de nucleótidos capaces de combinarse para crear variedades cada vez más complejas y casi sin límite.

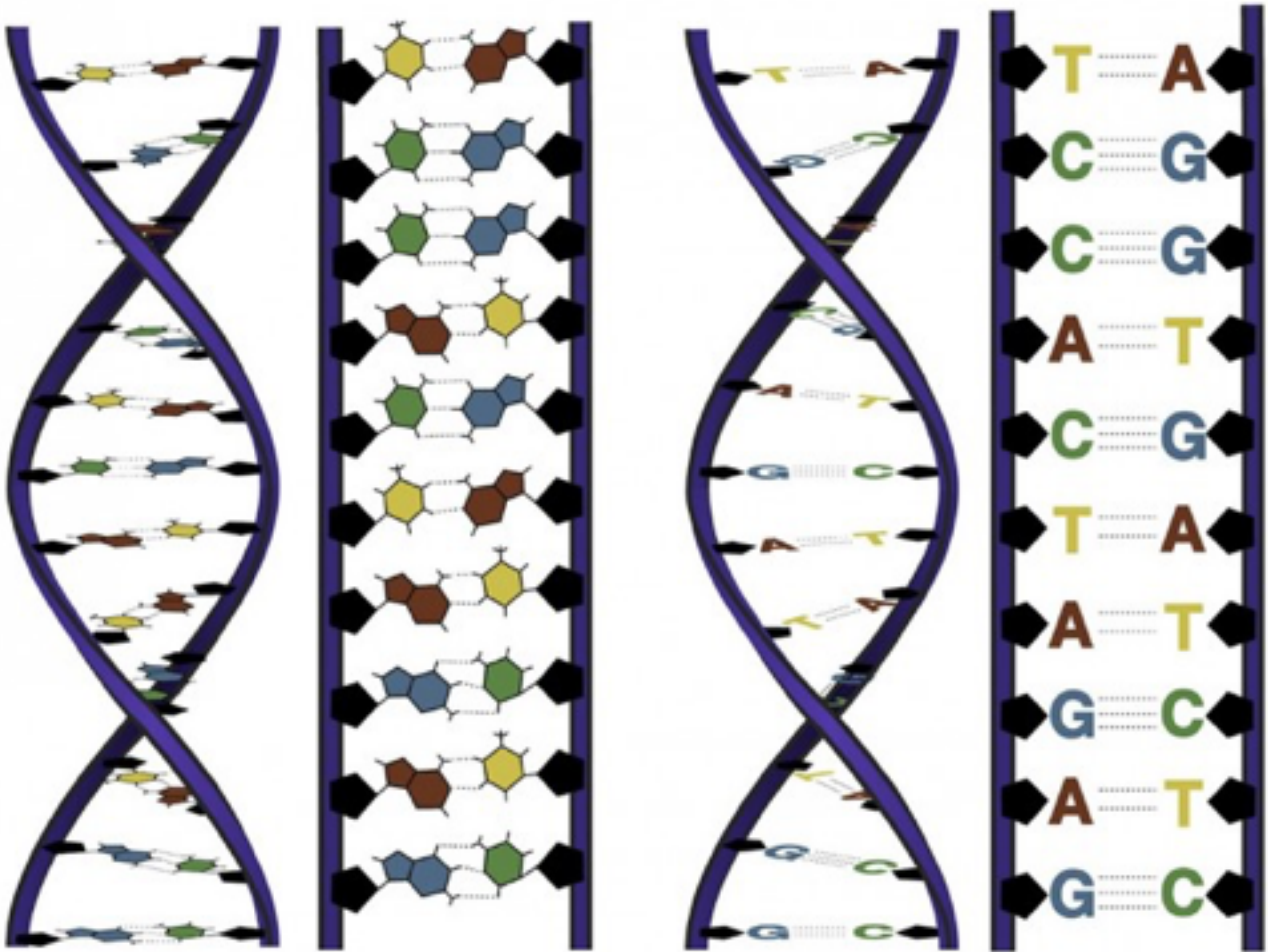


Fig. 2. Doble hélice conformada por los polinucleótidos: cadena de adenina (A) - timina (T) y guanina (G) - citocina (C). Imagen tomada de: https://www.fayerwayer.com/2013/12/cientificos-descubren-segundo-codigo-genetico-escondido-en-el-adn/

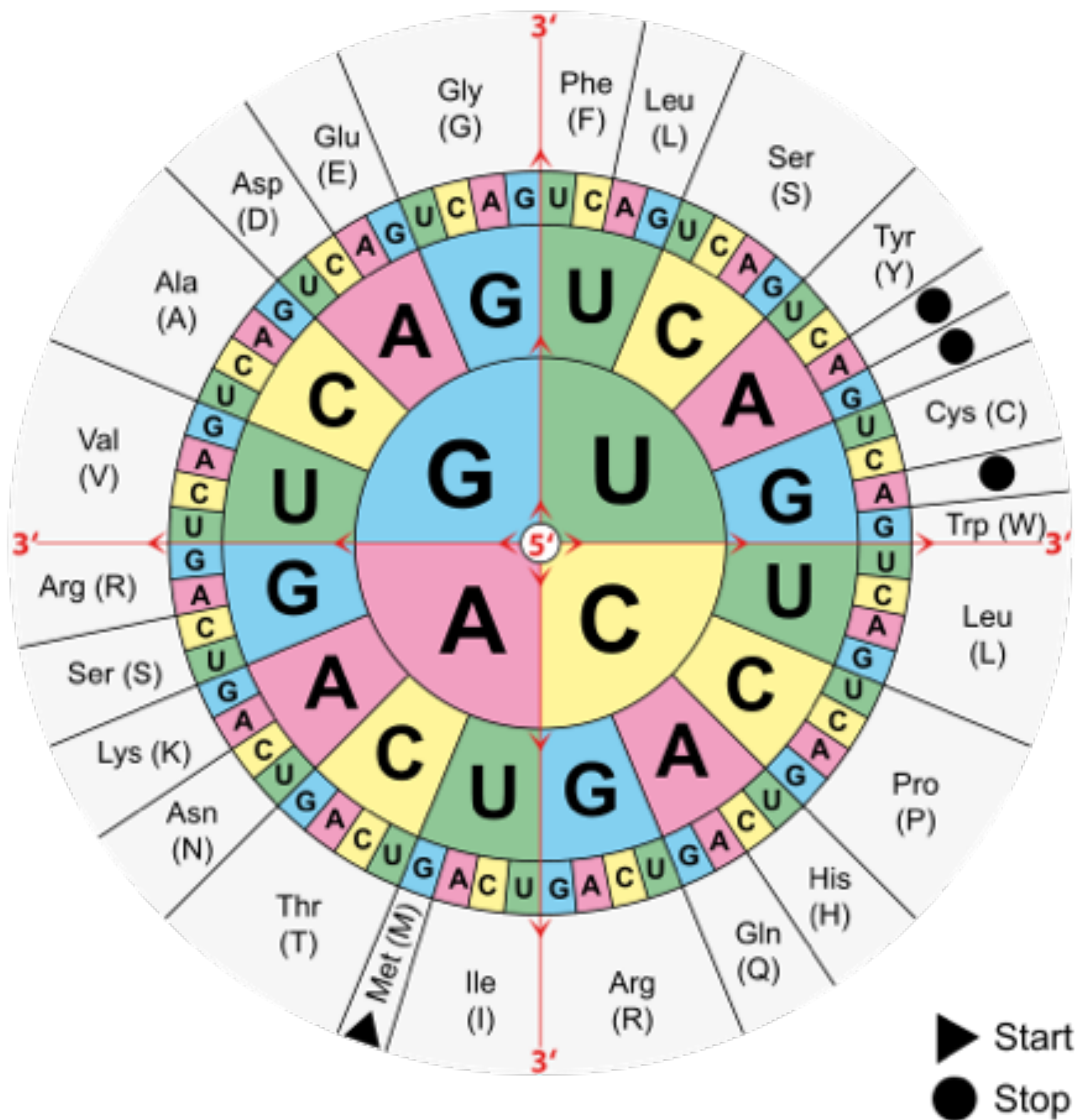


Fig. 3. El código genético o de codones (tripletes). Se muestran todas las combinatorias existentes respecto a los 4 nucleótidos que constituyen la secuencia de ARN (A, G, U y C), transcrito del ADN (A, G, T y C). Estas combinatorias de tres dan como resultado la codificación de su respectivo aminoácido en el proceso de traducción. Imagen tomada de: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Aminoacids_table.svg

Además de la codificación del ADN, también existe un segundo lenguaje en nuestras células, el de las proteínas, escrito en el alfabeto propio de estas moléculas. Cada célula contiene miles de proteínas que realizan las reacciones químicas que se necesitan para la vida del organismo. La síntesis de cada proteína está dirigida por un grupo de ácidos nucleicos determinado (codón). Así, el lenguaje de los ácidos nucleicos determina el lenguaje de las proteínas (Salas, 2003). Las proteínas codificadas poseen estructuras y funciones únicas que determinan los procesos que demarcan la individualidad de la célula y del organismo entero. Esta actividad individual de las proteínas está determinada por su secuencia de aminoácidos, la cual depende a su vez de la secuencia de nucleótidos en el gen (Bohinski, 1991) (Fig. 3). Estas proteínas se componen de 20 aminoácidos comunes, presentes una y otra vez (Alberts, et al., 1995) su longitud y combinatoria determina en gran medida la naturaleza proteica. De tal manera que las proteínas forman secuencias de aminoácidos que se pliega en estructuras tridimensionales complejas para que la proteína tenga una actividad biológica. El plegamiento de las proteínas es muy preciso y generalmente se adoptan básicamente las formas de alfa hélice y hoja beta (López de la Paz, et al., 2001).

2.1.1. Genotipo

2.1.2. Fenotipo

2.1.3. Expresión genética (flujo de información)

La molécula de ADN no es un molde directo para la síntesis de una proteína. El mecanismo por el cual se explica el paso de información es través de un sistema de transcripción y traducción (Nishimura, et al., 1965). La información del ADN es transcrita o copiada hacia el ácido ribonucleico mensajero (ARNm), el cual actúa como molécula emisaria que lleva la información del ADN hacia la traducción o síntesis de proteínas (Lengyel, et al., 1961; Matthaei, et al., 1962; Bohinski, 1991). En la traducción la biosíntesis de cadenas polipeptídicas con secuencias de aminoácidos específicas dependen de la secuencia de nucleótidos del ARNm, con la intervención auxiliar de los ARNt y los ribosomas. Este sistema de flujo de información esta conservado en todos los seres vivos y se ha establecido como un dogma central en la biología molecular (Fig. 4).

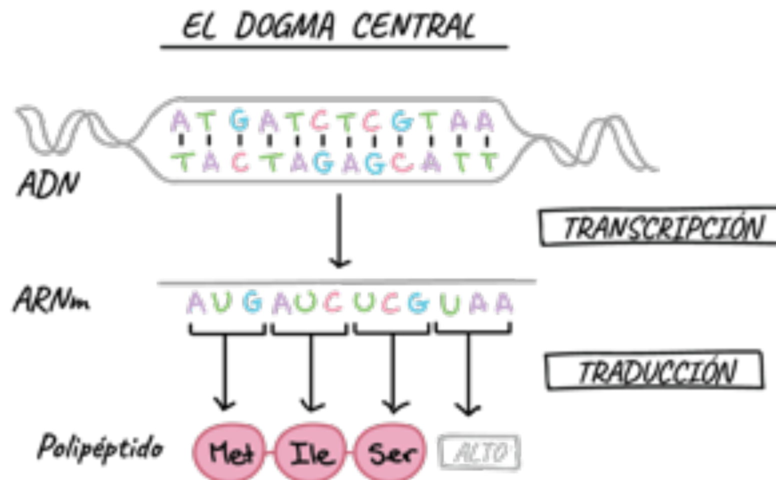


Fig.4. Sistema del flujo de la información genética. Donde existen dos eventos universales para cualquier sistema vivo: 1) transcripción y 2) traducción. Imagen tomada de: https://es.khanacademy.org/science/biology/gene-expression-central-dogma/central-dogma-transcription/v/rna-transcription-and-translation

Ambos tipos de lenguajes tienen un ordenamiento de los nucleótidos y los aminoácidos regidos por reglas biológicas para formular un mensaje integrado ya sea en el ADN o en las proteínas. Estas dos biomoléculas son muy importantes gracias al hecho de que ambos tipos de moléculas son informativas, es decir, almacenan en su estructura química las instrucciones que determinan la morfología y fisiología específica de cada célula (Bohinski, 1991).

2.1.4. Redes de interacción

En la sección anterior se explica cómo se da el flujo de información: del ADN al ARN y a las proteínas, lo cual permite el control de todas las actividades celulares. Sin embargo, los mecanismos que determinan de manera temporal y espacial el momento en el cual la información genética fluye son extremadamente complejos. Pero, es posible su descripción comprendiendo que la información escrita en el ADN esta localizada en unidades discretas conocidas como Genes, los cuales son altamente específicos en su expresión tanto temporal como espacial. Por lo tanto, se requiere de un control riguroso de la transcripción genética para determinar qué proteínas se van a sintetizar en las diferentes células en un momento determinado.

La esencia del control transcripcional de los genes se realiza por unas proteínas denominadas factores transcripcionales (FT) que se ensamblan de manera coordinada en una región

específica del gen denominada promotor, este evento desencadena la unión de otras proteínas para que el proceso "transferencia de información" siga su paso (Salazar, et al., 2013). En otras palabras, los FT son los interruptores genéticos que se encargan de modular la activación o represión de una gran variedad de genes. Presentes en casi todos los sistemas bioquímicos de las células eucariotas, creando "programas regulatorios" que definen los diversos estadios de desarrollo de un organismo así como su adaptación a una gran variedad de ambientes diferentes (Yusuf, et al., 2012).

2.2. Sonido

Existen dos aspectos importantes que atañen al término Sonido, el primero que lo describe físicamente (acústica) y el segundo que se encarga de la parte perceptual (psicoacústica). En este apartado definiré el aspecto acústico y en el siguiente abordaré la parte psicoacústica.

2.2.1. Percepción

En el proceso de percepción del sonido es importante definir el proceso fisiológico de captación de las ondas sonoras y que este dependerá de las características mencionadas en el apartado anterior, para finalmente hacer una transducción de la señal física a señales eléctricas que desembocan en regiones especificas del cerebro produciéndonos diferentes sensaciones, a esta área de estudio se le conoce como la Psicoacústica, que a grandes rasgos trata del estudio de las relaciones entre los estímulos físicos sonoros y nuestra percepción como seres humanos.

En la psicoacústica, como en la información genética y la información acústica, también se observa una clasificación de enfoque en grandes grupos igualmente conocidos como "macroscopico" y "microscópico" de la audición. El primero se refiere al estudio de ondas simples o complejas discretas, analizadas en procesos experimentales de laboratorio, olvidando la parte natural de escucha del ser humano, por otra parte el segundo enfoque se concentra en análisis holísticos de la audición, incluyendo la parte neurológica que conlleva la excitación del oído. Sin embargo, el enfoque macroscópico esta en pleno desarrollo, y aún no se comprenden los procesos de integración de información a nivel cerebral, y ambos son importantes para la comprensión de la constitución de los sonidos.

Por tal motivo, busco generar una relación en estos diferentes niveles descritos por Schaeffer (1988) para el desarrollo de este trabajo (Fig. 5).

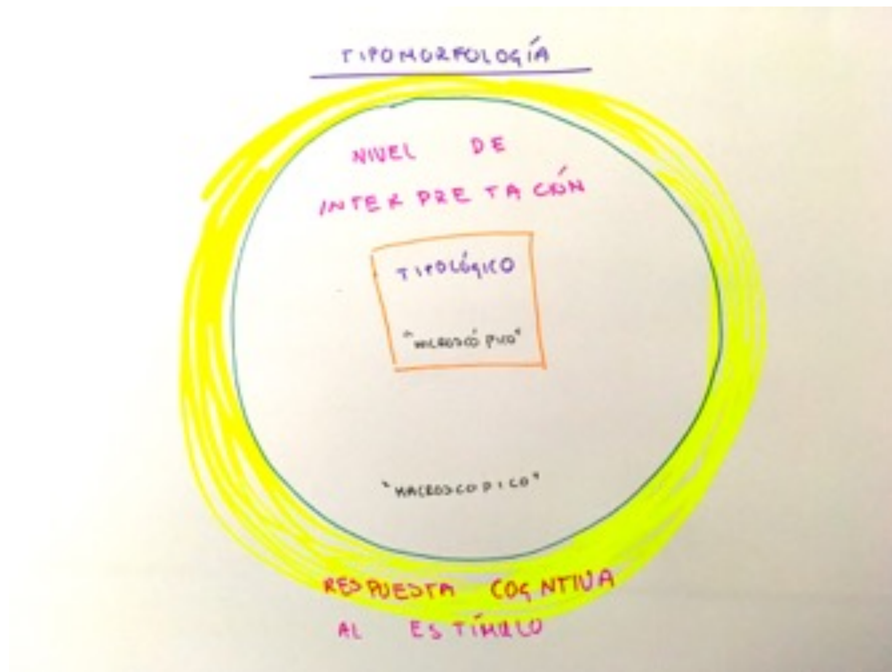


Fig. 5. Tipomorfología: clasificación del absoluto sonoro. Compuesta por dos niveles: 1) el tipológico, y 2) el morfológico, es decir, interpretación del sonido como objeto y su clasificación por sus características.

3. Planteamiento del problema

Podemos observar un cambio de conceptualización de la Vida, como trata de explicarlo el Bioarte, o como lo expresa el artista plástico Alexis Rockman en sus pinturas, plasmando las consecuencias del progreso industrial y tecnológico en nuestra cultura, obligándonos a convivir con estas modificaciones en el mundo vivo, al que nadie se escapa (Fig. 6).

Por ello, este trabajo de conceptualización de la información genética en una planta modelo (*Arabidopsis thaliana*) más allá de ofrecer un momento agradable de percepciones emotivas, es una invitación a la reflexión de un mundo futuro, donde ya no hay diferencia entre las quimeras que desarrolla Kac y que define como “plantanimales” o “animanos”, productos del entendimiento y manipulación del ADN, que es, lo que hace posible estas recombinaciones/creaciones/manipulaciones.



Fig. 6. "The farm" es un de las obras del proyecto "Wonderful World" de Alexis Rockman, quien muestra una convivencia "natural" de organismos genéticamente modificados, manifestando nuestro contexto social actual.

3.1. ¿Por qué y para qué?

Arabidopsis thaliana, es un claro ejemplo de esta reflexión, como planta modelo de las investigaciones vegetales, es quien ha sufrido por generaciones más incidencias mutacionales. Gracias a su plasticidad, por su genoma más corto (5 cromosomas) del reino vegetal, su corto ciclo de vida, y a otras características ha permitido abrir camino a un cumulo de otras investigaciones, que ya llevan por fin un aprovechamiento tanto de productividad como ornamental.

4. Técnica

Hoy, se habla del regreso del carácter ritual del arte aurático propuesto por Benjamin Walter (2003) gracias al advenimiento de las tecnologías de la información, el cual Mowitt (2012) visualiza como un cambio en la tradición en la administración de la interpretación cultural, centralizada en lo que conocemos como Bit, el cual se extiende y esfuerza en convertir nuestros contextos de vida en información digital utilizable, emergiendo en trabajos de "músicos radicalizados" que se relacionan día con día con estos desarrollos tecnológicos elevando las condiciones técnicas previas de su material tanto musical como científico a un nivel de expresión cultural.

En resumen, y en palabras de Taylor (2001) *"la tecnología musical -cualquier tecnología- no es simplemente un artefacto o una colección de artefactos; está, más bien, siempre vinculado en un sistema social, una "red sin interrupciones""*.

4.1. Teoría

Siendo que poseemos tanto la tecnología de la información, una computadora que nos permite analizar los datos, podemos entonces, tomar nuestra información (o la información de *Arabidopsis thalina)* contenidos en bases de datos (NCBI) y procesarla, de una u otra manera escogí el sonido.

4.1.1. Arabidopsis thaliana

4.1.1.1. Ciclo de Vida

El desarrollo reproductivo comienza con la generación de gametos haploides masculinos y femeninos (gametogénesis) y, luego de la doble fertilización, resulta en un embrión detenido en el desarrollo que posee un meristemo apical de la raíz (RAM) y un meristema apical del brote (SAM), encerrado dentro de una semilla . En condiciones favorables, las semillas germinan y las plantas jóvenes pasa por la fase vegetativa de desarrollo en la que se forman las hojas y las plantas adquieren tamaño y masa. Finalmente, la planta está lista para florecer y la etapa de transición floral resulta en la conversión de meristemas vegetativos en meristemas de inflorescencia (MI) y meristemas florales (FM) que producen órganos florales. Posteriormente, los gametos se forman dentro de los órganos de flor internos, completando así el ciclo (Smaczniak, C. *et al.*, 2012).

4.1.1.2. Redes genéticas de estadio

Se explica la vida de esta peculiar planta de acuerdo a la interacción de los 136 genes tipo MADS-box (Fig. 7), que por sus funcionalidades destaca en el desarrollo vegetal.

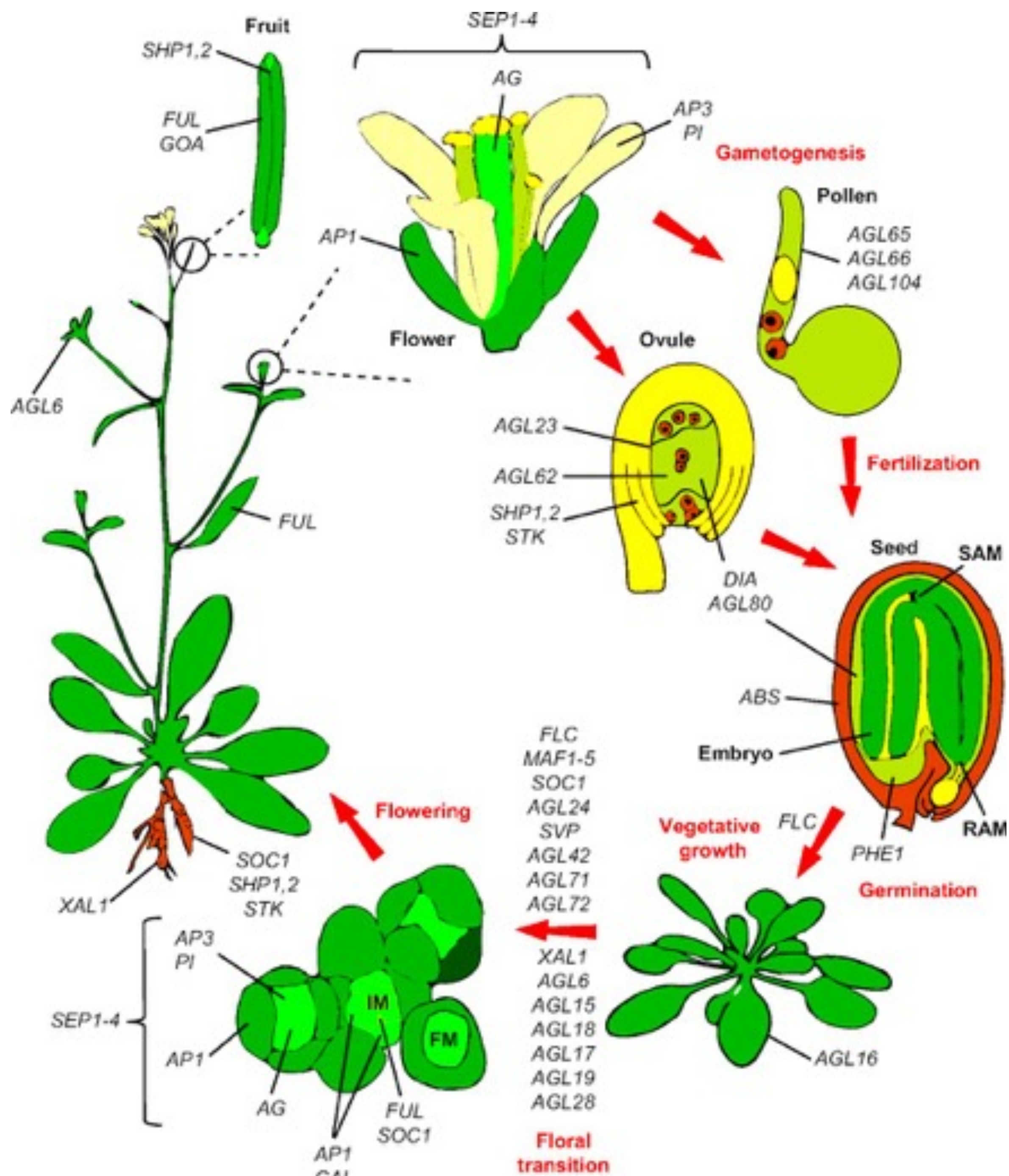


Fig. 7. Funciones de los genes MADS-box a lo largo del ciclo de vida de Arabidopsis thaliana. Arabidopsis progresa a través de varios cambios de fase importantes durante su ciclo de vida y los genes MADS-box desempeñan distintos papeles en las diversas fases y transiciones de desarrollo.

4.2. Diseño

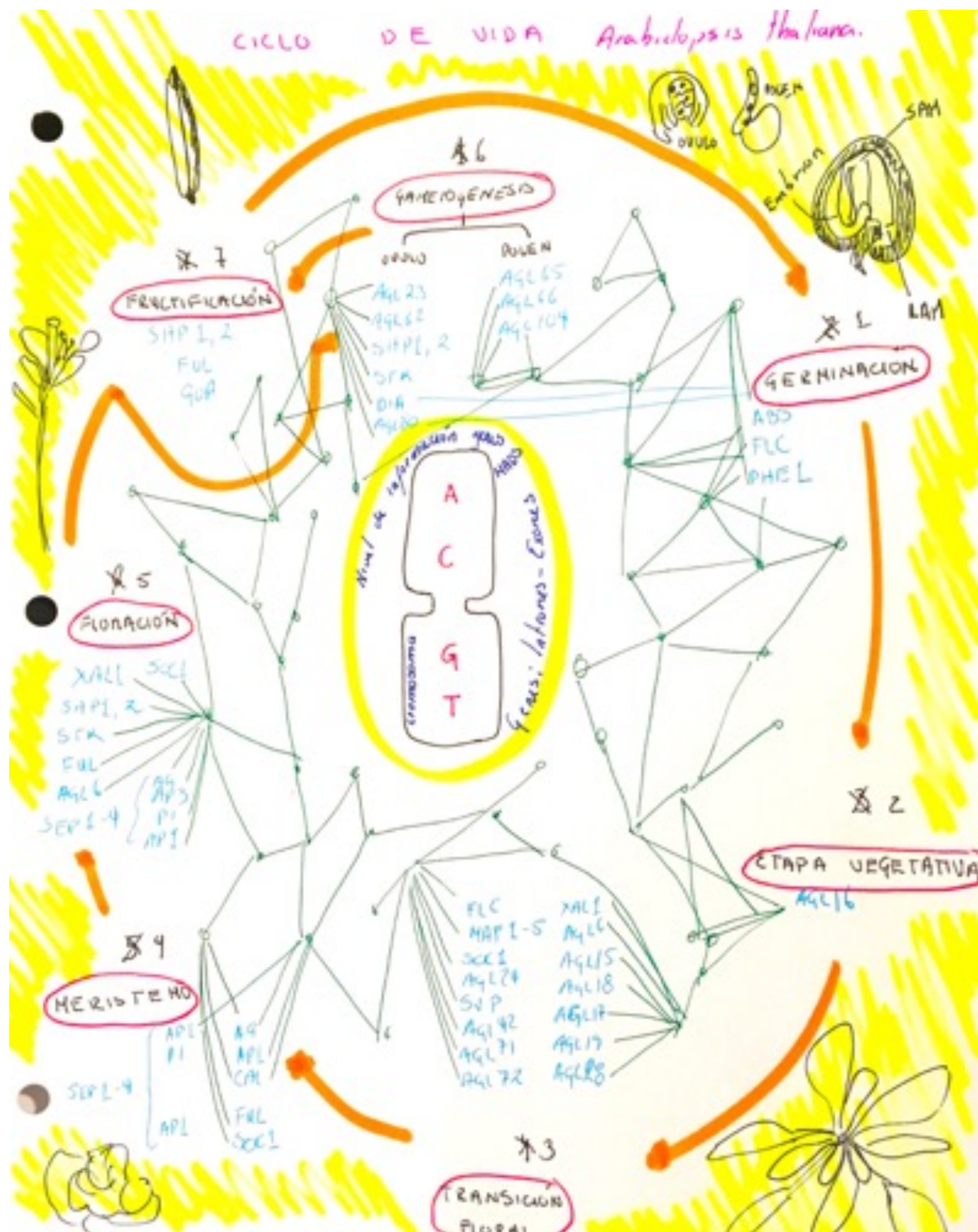


Fig. 8. Diseño del procesamiento de datos

4.2.1. Sonificación (genotipo-micro)

4.2.2. Musicalización (fenotipo-macro)

4.2.3. Instalación sonora (macro)

5. Resultado

6. Conclusión

7. Referencias bibliográficas

1. Avery, D.; MacLeod, C., & McCarthy, M. (1944). "Studies on the chemical nature of the substance inducing transformation of pneumococcal types. Induction of transformation by a deoxrybonucleic acid fraction isolated from pneumococcus type III". J. Exp.Med. 79:137-157.
2. Alberts, B., Bray, D., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., & Watson, J. D. (1995). Molecular Biology of the Cell 3rd Ed. Garland Publishing, New York.
3. Benítez Valero, L., Vilar, G., & Tafalla, M. (2014). Bioarte – Una estética de la desorganización (tesis doctoral). Universitat Autónoma de Barcelona, España.
4. Benjamin, Walter (2003). La obra de arte en la época de su reproducibilidad técnica. Andrés Weikert (trad.) México: Itaca. Pp. 37-62.
5. Bohinski, R. (1991). Bioquímica. Addison-Wesley Iberoamericana, S.A., Wilmington, USA.
6. Brea, José Luis. La era postmedia. Salamanca: ed. CASA, 2002. Pp. 112-124. disponible en: https://ia600800.us.archive.org/29/items/elinstantedesisifo_riseup_Psat/Brea_La%20era%20postmedia.pdf
7. Castells, Manuel (2004), La era de la información, vol. I "La sociedad red", Alianza, 3a ed., Madrid (p.o. 1996).
8. Etxeberria, A. & Garcia Azkonobieta, T. (2004) Sobre la noción de información genética: semántica y excepcionalidad. Theoria 50: 209-230.
9. Hermann T, Hunt A, Neuhoff JG (2011) The sonification handbook, Logos Publishing House

10. Holmes, Brian. (2012). "Investigaciones extradisciplinares. Hacia una nueva crítica de las instituciones", en: European Institute for Progressive Cultural Policies, disponible en: http://eipcp.net/transversal/0106/holmes/es.
11. Ingalls,T., Martius, G., Hellmuth, M., Marz, M., & Prohaska, J. (2009). Converting DNA to Music: COMPOSALING. In: German Conference on Bioinformatics, 93- 104.
12. Kac, Eduardo. (1998). "El arte transgénico", en: Leonardo Electronic Almanac, Vol. 6, No. 11, disponible en: http://www.ekac.org/transgenico.html.
13. Kornberg, A., & Baker, T. (1992). DNA replication, 2nd ed. W.H. Freeman and Company. New York.
14. Lengyel, P.; Speyer, J., & Ochoa, S. (1961). "Synthetic polynucleotides and the amino acid code". Proc.Natl.Acad.Sci. 47:1936-1949.
15. López de la Paz, M.; Lacroix, E.; Ramírez-Alvarado, M., & Serrano, L. (2001). "Computer-aided design of beta-sheet peptides". J.Mol.Biol. 312:229-246.
16. Matewecki, Natalia. (2010). "Arte y ciencia en la escena contemporánea", en: Usos de la ciencia en el arte argentino contemporáneo, Buenos Aires, Papers.
17. Matthaei, J.; Jones, O.; Martin, R., & Nirenberg, M. (1962). "Characteristics and composition of RNA coding units". Proc.Natl.Acad.Sci. 48: 666-677.
18. Mowitt, John. (2012). "The Sound of Music in the Era of its Electronic Reproductibility". The Sound Studies Reader. Oxon: Routledge, 2012. Pp.213-224.
19. Nirenberg, M., & Matthaei, J. (1961). "The dependence of cellfree protein synthesis in E. coli upon naturally occurring or synthetic polyribonucleotides". Proc.Natl.Acad.Sci. 47:1588-1602.
20. Nishimura, S.; Jones, D., & Khorana, H. (1965). "The in vitro synthesis of a copolypeptide containing two amino acids in alternating sequence dependent upon a DNA-like polymer containing two nucleotides in alternating sequence". J.Mol.Biol. 13:302-324.
21. Ohno, S., Ohno, M. (1986). The All Pervasive Principle of Repetitious Recurrence Governs Not Only Coding Sequence Construction But Also Human Endeavor in Musical Composition. Immunogenetics 24: 71-78.
22. Salas, M. (2003). Genética y Lenguaje Discurso leído el día 4 de junio en su recepción pública, Madrid – España.
23. Salazar, A., Liu, B., Doughty, P., Lewis, RA., Ghosh, S., Parsy, ML., Simpson, PJ., O'Dwyer, K., Matthews, SJ. & Paget MS. (2013) The actinobacterial transcription factor

RbpA binds to the principal sigma subunit of RNA polymerase. Nucleic Acids Res. 41: 5679–5691

24. Schaeffer, Pierre. (1988). “Tratado de los objetos musicales”, Alianza Música, Madrid. disponible en: https://monoskop.org/images/1/1e/Schaeffer_Pierre_Tratado_de_los_objetos_musicales.pdf
25. Smaczniak, C. et al. (2012). Developmental and evolutionary diversity of plant MADS-domain factors: insights from recent studies. Development 139, 3081–3098. disponible en: http://dev.biologists.org/content/139/17/3081
26. Stubrin, Lucía. (2014). Aportes para el estudio de la vanguardia biológica latinoamericana. Nómadas, (40), 131-143. Retrieved November 23. disponible en: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0121-75502014000100009&lng=en&tlng=es.
27. Takahashi, R. & Miller, J. (2007). Conversion of amino-acid sequence in proteins to classical music: search for auditory patterns. Genome Biology. 8: 405. disponible en: http://genomebiology.com/2007/8/5/405
28. Taylor, Timothy. Strange Sounds: Music, Technology and Culture. Nueva York: Routledge, 2001. Caps. 1,2 (pp.3-40). disponible en: https://ia601509.us.archive.org/34/items/mat-bib_201710/TimothyDTaylor-strangeSounds_MusicTechnologyAndCulture-routledge2001.pdf
29. Temple, MD. (2017). An auditory display tool for DNA sequence analysis. BMC Bioinformatics 18, 221. disponible en: https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12859-017-1632-x
30. Watson, J., & Crick, F. (1953). "Molecular structure of nucleic acids: a structure of deoxyribonucleic acid". Nature.171: 737-738.
31. Yusuf, D., Butland, S., Swanson, MI., Bolotin, E., Ticoll, A., Cheung, WA., Zhang, XY., Dickman, CT., Fulton, DL., Lim, JS., et al. (2012). The transcription factor encyclopedia. Genome Biol.; 13:R24.

8. Páginas electrónicas

1. Sitio electrónico de *“trees: Pinus sylvestris”* , disponible en: https://www.researchcatalogue.net/view/215961/215962
2. Sitio electrónico del artista Alexis Rockman, disponible en: http://alexisrockman.net

3. Sitio electrónico de "*Pulsu(m) Plantae"*, disponible en: http://lessnullvoid.cc/pulsum/
4. Sitio electrónico/base de datos NCBI (National Center for Biotechnology Information), disponible en: https://www.ncbi.nlm.nih.gov
5. Sardón, M. (2005). ***Cultivos estocásticos***. Argentina. disponible en: http://www.marianosardon.com.ar/cultivos/cultivos_text_esp.htm.